

ОБРАЗЕЦ



До Универзитет „Гоце Делчев“ – Штип
Фонд за научно - истражувачка работа

Барање за финансирање на научно - истражувачки проект
Application form for financing of research projects

Дата на поднесување	
Проект Бр:	<i>(Се пополнува од Архивата на Универзитетот)</i>

Date of submission	
Project No:	<i>(Filled by the University authority)</i>

Наслов на проектот	Развој на нови алгоритми и софтверска библиотека за примена во биомедицинското инженерство
Клучни зборови	ДНА порамнување, кластерирање, алгоритми со препорака, колаборативна здравствена заштита, мета-хевристични алгоритми
FRASCATI класификација	110 - 11000, 11007, 11011

Proposal Title	Development of novel algorithms and software library for biomedical engineering application
Keywords	DNA alignment, clustering, recommendation algorithm, collaborative health care, meta-heuristic algorithms
FRASCATI classification	110 - 11000, 11007, 11011

ПРВ ДЕЛ/PART 1:

Апстракт (максимум 250 зборови)

Молекуларната биологија и информатиката се комплексни области чија терминологија и номенклатура звучат сосема непознато за луѓето кои не се занимаваат со тоа. Биоинформатиката ги спојува двете полиња и додава доза на статистика, комбинаторика и други гранки од математиката.

На почетокот, ќе дадеме преглед и споредбена анализа на постоечките алгоритми и алатки за парово и повеќекратно ДНК порамнување, означување на гени, експресија на гени и протеини, препорака на алгоритми за колаборативна здравствена заштита...итн. Целта на проектот е развој на нови алгоритми за ДНК порамнување, пребарување и групирање, нов алгоритам за препорака во колаборативна здравствена заштита и употреба на различни мета-хевристички алгоритми за биомедицински апликации. Планираме да создадеме софтверска библиотека, која ќе се состои од постоечките и ново-дизајнираните алгоритми.

Abstract (max 250 words)

Molecular biology and computer science are complex fields whose terminology and nomenclature can be formidable to the outsider. Bioinformatics merges the two fields, and adds a healthy dose of statistics, combinatorics, and other branches of mathematics.

At the beginning, we will give a survey and comparative analysis of existing algorithms and tools for sequence alignment, multiple sequence alignment, marking of the genes, expression of the genes and proteins, recommendation algorithms for collaborative health care, etc. The aim of this project is to develop a new algorithms for DNA alignment, search and clustering, new recommendation algorithm for collaborative health care and use of different meta-heuristic algorithms for biomedical engineering applications. We plan to create a software library that will consists of existing and new designed algorithms.

Детален опис на проектот:

Вовед

Развојот на генетиката резултира со огромна количина на биолошки податоци, предмет на напредна пресметковна анализа. Биоинформатиката се заоснова на употреба на информациски техники за анализа и интерпретација на биолошки податоци. Постојана е потребата од алгоритми за ДНК порамнување, пребарување и групирање, како и оптимизација на веќе постоечките пристапи. Имено, временската неефикасност на постоечките техники за ДНК порамнување е главниот недостаток. Алгоритмот на Smith и Waterman (T. SMITH & al. [1]), има $O(nm)$ временска комплексност и изнаоѓа едно оптимално решение со вметнување на празнини. Наместо да се бара едно оптимално решение, M. WATERMAN и M. EGGERT [2] претставија идеја за изнаоѓање на k подоптимални локални порамнувања. Главниот недостаток на алгоритмот на Waterman и Eggert е повторно нелинеарната временска комплексност. За да се оптимизира мемориската комплексност на Waterman-Eggert алгоритмот, X. HUANG и W. MILLER [3] во 1990 предложија линерано мемориско решение на проблемот на Waterman и Eggert. Новите брзи имплементации, како: FASTA (D. LIPMAN & al. [4]) и BLAST (S. ALTSCHUL & al. [5]), вршат пребарување на огромни генетски податочни бази, изнаоѓајќи хомоложни секвенци во однос на референтна - непозната секвенца, при што решението секогаш не оптималното.

Многу истражувачи работат на алгоритми за подобра здравствена грижа на пациентите и системи кои овозможуваат постојан надзор на здравјето на пациентите. И покрај тоа што тековните алгоритми имаат сличности, тие меѓусебно се разликуваат. Lee et al. [7] предлага мобилен здравствен информациски систем и алгоритам кој обезбедува сигнализација. Системот на Jog Falls [8] е конечен систем за контрола на дијабетес и надзор на енергетска експанзија, најава за диета и анализа на здравствените податоци, како за пациентите, така и за лекарите. MediNet [9] го персонализира здравствениот процес, со генерирање на лични пораки за пациентите, врз основа на тековните и претходните отчитувања од надгледните уреди поврзани за пациентот, профилот на пациентот и целата на медицинскиот третман. Планираме да предложиме алгоритам кој ќе генерира препорака за конкретна активност, која корисникот треба да ја изврши за да го подобри своето здравје. Препораката ќе се генерира врз основа на здравствената состојба на корисникот и медицинската историја на пациентот.

Земајќи ги во предвид пресметковните недостатоци на детерминистичките алгоритми како градиент на информација, изразена зависност од почетната вредност и огромната мемориска алокација, мета-хевристичките алгоритми се земат како изводлива алтернатива. Мета-хевристичките алгоритми се разгледуваат како итеративен процес, заоснован на случајност и правила за изнаоѓање на поволни кандидат решенија, со цел ефикасно да се пронајде решение, блиску до оптималното. Некои од мета-хевристичките алгоритми за решавање на инженерски биомедицински проблеми се: Вештачките Невронски Мрежи (ANN) [10], Генетските алгоритми (GA) [11], Оптимизација на рој честици (Particle Swarm Optimization) [12], Ant Colony оптимизација (ACO) [13] и Simulated Annealing (SA) [14]. Неодамна, Geem et al. [15] предложи нов мета-хевристички алгоритам за хармониско пребарување за решавање на оптимизациски проблеми. Споредувајќи го хармониското пребарување со мета-хевристичките алгоритми, се покажа дека хармониското пребарување го нагласува диверзитетот и интензитетот. Тоа значи дека хармониското пребарување вклучува доза на случајност, ефикасно истражувајќи го просторот за пребарување, не оддалечувајќи се од можните поволни решенија, истовремено избегнувајќи конвергенција кон оптимални локални решенија. Планираме да работиме на нова и пооптимална алтернатива на овој алгоритам, за решавање на биомедицински проблеми.

- [1] T. SMITH, M. WATERMAN, Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology*, 147(1), 195, 197 (1981).
- [2] M. WATERMAN, M. EGGERT, A new algorithm for best subsequence alignments with application to tRNA-rRNA comparisons. *Journal of Molecular Biology*, 197,723, 728 (1987).
- [3] X. HUANG, W. MILLER, A time-efficient, linear-space local similarity algorithm. *Advances in Applied Mathematics*, 12,337, 357 (1991).
- [4] D.LIPMAN,W. PEARSON,Rapid and sensitive protein similarity searches.*Science*,227(4693),1435-1441 (1985).
- [5] S. ALTSCHUL, W. GISH, W. MILLER, E. MYERS, D. LIPMAN, Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3),403, 410 (1990).
- [6] D. STOJANOV, A. MILEVA, S. KOCESKI, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology. *Advanced Studies in Biology*, 4(2),85, 93 (2012).
- [7] [7] Lee, R.G., Chen, K.C., Hsiao, C.C., Tseng C.L.: A Mobile Care System With Alert Mechanism. *Trans. Info. Tech. Biomed*, Vol.11, No.5, 507-517. (2007)
- [8] [8] Nachman, L., Baxi, A., Bhattacharya, S., Darera, V.: Jog Falls: A Pervasive Healthcare Platform for Diabetes Management. *Pervasive Computing*, Vol. 6030, 94–111.(2010)
- [9] [9] Mohan, P., Marin, D., Sultan, S., Deen, A.: MediNet: Personalizing the Self-Care Process for Patients with Diabetes and Cardiovascular Disease Using Mobile Telephony. In *Proc. 30th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Vancouver, Canada, 755-758. (2008)
- [10]Ahmadlou, Mehran, and Hojjat Adeli. "Enhanced probabilistic neural network with local decision circles: A robust classifier." *Integrated Computer-Aided Engineering* 17, no. 3 (2010): 197-210.
- [11]Guo, Pengfei, Xuezhi Wang, and Yingshi Han. "The enhanced genetic algorithms for the optimization design." In *Biomedical Engineering and Informatics (BMEI)*, 2010 3rd International Conference on, vol. 7, pp. 2990-2994. IEEE, 2010.
- [12]Parsopoulos, Konstantinos E., and Michael N. Vrahatis. *Particle swarm optimization and intelligence: advances and applications*. Hershey: Information Science Reference, 2010.
- [13]Chandra Mohan, B., and R. Baskaran. "A survey: Ant Colony Optimization based recent research and implementation on several engineering domain." *Expert Systems with Applications* (2011).
- [14]Sharma, Neeraj, Amit K. Ray, Shiru Sharma, K. K. Shukla, Lalit Aggarwal, and Satyajit Pradhan. "Segmentation of medical images using simulated annealing based fuzzy C Means algorithm." *International Journal of Biomedical Engineering and Technology* 2, no. 3 (2009): 260-278.
- [15]Geem, Z.W., Kim, J.H., Loganathan, G.V.: A new heuristic optimization algorithm: harmony search. *Simulation* 76, 60–68 (2001)

Предложени истражувања

Планираме да ги извршиме следниве активности во дадените временски рамки.

1. Развој на нови алгоритми за ДНК порамнување, пребарување и кластерирање.

Последните години, предложени се неколку податочно-пребарувачки техники за решавање на биолошки проблеми. Типични примери на анализа на биолошки податоци се: предвидување на структура на протеин, класификација на гени, групирање на ген-изразните податоци, статистичко моделирање на протеин-протеин взаемнодејствието, итн. Типични биоинформатички активности кои ги ползуваат придобивките од употребата на информациските технологии се: анализа и пресликување на ДНК и протеински структури, порамнување на ДНК и протеини и креирање на 3D модели на протеини.

Постојана е потребата од алгоритми за ДНК порамнување, пребарување и кластерирање, како и оптимизирање на веќе постоечките пристапи. Ќе се обидеме да развиеме нови алгоритми за локално и глобално ДНК порамнување. Како што е познато, временската неефикасност е главниот недостаток на постоечките техники за локално порамнување. Покрај временската комплексност, просторната комплексност исто така може да биде ограничувачки фактор во случај на порамнување на долги нуклеотидни секвенци. За да се намали мемориската комплексност (D. STOJANOV et al. [6]) го претставува секој совпаѓачки регион со податочна тројка, идентификувајќи ги почетните положби и должината на секој совпаѓачки регион. Извршените мерења во [6] јасно укажуваат дека мемориската комплексност е линеарна, додека временската комплексност е $O(nm^2)$. Најголем дел од времето на извршување во [6] се троши на проверка на сите можни комбинации на локални порамнувања во рамки на препокривачки сегменти со еднаква должина и бројот на обработени кандидат-решенија. Во случај на порамнување на долги ДНК секвенци, поголем број на совпаѓачки региони се дел од оптималното локално порамнување. Исто така, веројатноста за изнаоѓање на оптимално локално порамнување во рамки на m -нуклеотиден регион, каде m е должината на помалата ДНК секвенца, е поголема од веројатноста оптималното решение да се пронајде во рамки на препокривачки сегменти со помалку од m нуклеотиди.

Следствено, целата на оваа активност е развој на брза методологија за локално порамнување, со линеарна временска и просторна комплексност – $O(m)$, во случај на порамнување на хомологни ДНК секвенци со приближно идентична должина.

Исто така ќе работиме на податочно-пребарувачки алгоритми, кои можат да се примената за наоѓање на гени, детекција на функцијата на непознат протеин, оптимизација за лекување на болест, реконструкција на протеин и ген-интеракциска мрежа.

2. Развој на нов алгоритам за колаборативна здравствена заштита

Развојот на пациент-персонализирани превентивни системи е тековен тренд во здравствената заштита. Превентивната здравствена заштита опфаќа мерики на: дизајн, развој и оценка на компјутерските технологии, кои од една страна ги прават пациентите активни учесници во процесот на подобрување на нивното здравје, обезбедувајќи флексибилност на секојдневните активности на пациентот. Математички модел на нов алгоритам, кој генерира препораки за превентивно делување, наспроти болнички третман е во план за развој. Главна цел на овој алгоритам е утврдување на релација помеѓу здравствената состојба на корисникот и извршените физички активности. Следствено, предложениот алгоритам треба да генерира препораки кои ќе му помогнат на корисникот да ги приспособи физичките активности, со цел да го подобри своето здравје. Овие препораки, треба да ги охрабрува корисниците да водат активен и здрав живот, исполнет со физички активности и на тој начин истите да станат чинители на одржувањето на сопственото здравје.

Целта на овој алгоритмот кој ќе биде предложен е утврдување на зависноста помеѓу здравствената состојба на корисникот и физичките активности кои истиот ги извршува. Алгоритмот вклучува колаборациски и групирачки техники со цел да се генерират препораки за превентивна делување. За да се овозможи тоа, се земаат во предвид здравствената историја на пациентот и се

употребуваат групирани алгоритми за кластерирање на сличните податоци. Самата класификација обезбедува релевантни препораки, бидејќи истите се изведени врз основа на искуство за корисници со слични здравствени параметри.

Огромен број на параметри ја определуваат личноста. Во главно се работи за континуални променливи, предмет на мерење. Од друга страна, био-медицинските параметри и феномени најчесто се комплексни за математичка анализа. Поради нивната континуална природа, фази системите се земаат како репрезент на медицинската реалност. Фази можествата овозможуваат природен опис на био-медицинските променливи, со употреба на симболички модели и формализми, без потреба од аналитичко моделирање.

Затоа во нашиот алгоритам, фази множествата и фази дискретизацијата се разгледуваат како соодветен пристап, што ги надминува разликите помеѓу дискретното резонирање во ИТ системите и непрекинатоста на биомедицинските параметри. Предложениот алгоритам ќе биде имплементиран во рамки на библиотеката и валидиран со употреба на генерички податоци. Резултатите од валидацијата ќе бидат претставени и врз основа на нив ќе бидат изведени соодветни заклучоци.

3. Имплементација на мета-хевристички алгоритми за биомедицински апликации

Неколку мета-хевристички алгоритми ќе бидат имплементирани за решавање на оптимизациски биомедицински проблеми, врз основа на следниве пристапи: генетски алгоритми, ant-colony, particle swarm optimization и хармониско пребарување.

Генетскиот алгоритам е хевристичко пребарување, симулација на процесот на природна еволуција. Таквата хевристика се употребува за генерирање на употребливи решенија за оптимизациски и пребарувачки проблеми. Генетските алгоритми се дел од класата на еволутивни алгоритми, кои генерираат решенија на оптимизациски проблеми, употребувајќи техники инспирирани од природната еволуција, како што се: наследувањето, мутацијата, селекцијата и вкрстувањето.

Ant colony оптимизацискиот алгоритам е техника за решавање на пресметковни проблеми, заоснован на теоријата на веројатност, кои се сведуваат на изнаоѓање на поволни патеки долж граф.

Алгоритмот е дел од претходната фамилија, и се состои од метакхевристичка оптимизација. Почетната идеја е пребарување на оптимална патека во граф, слично на однесувањето на мравките кои бараат патека помеѓу колонијата и изворот на храна. Оригиналната идеја се прошири и истата се применува за решавање на поголем број на нумерички проблеми и како резултат од тоа произлегоа неколку проблеми.

Рој честици (Particle swarm) оптимизацијата е пресметковен метод кој врши оптимизација на проблем, обидувајќи се постепено да пронајде поповолно кандидат решение. PSO врши оптимизација на проблем над популација на кандидат решенија, множество на честици, кои се поместуваат во просторот на пребарување во согласност со математичка определба, со предефинирани забрзувања и положби. Движењето на секоја честичка е зависно од најповолната положба и истото во иднина е водено кон најповолните положби во просторот на пребарување, односно ројот честици се поместува кон оптималното решение.

Хармониското пребарување е феномен-мимикрирачки алгоритам, кој наоѓа примена во многу апликации. Еден од клучните фактори за успех на овој алгоритам е стохастичкиот извод, кој може да се употреби и за дискретни вредности. Наспроти традиционалниот пресметковно-базиран градиент, алгоритмот е заоснован на искуство како извод во процесот на пребарување на оптималното решение. Тоа може да биде нова парадигма и главна причина за развој на повеќе апликации.

4. Дизајн и имплементација на софтверска библиотека за биомедицински апликации

Во последната фаза од проектот ќе бидат имплементирани претходните алгоритми во единствена софтверска библиотека. Првин ќе се дизајнира архитектурата на софтверската библиотека. Два модели на архитектура ќе бидат оценети: трослојна и MVC како можни решенија. Целта на активноста е

креирање на архитектурен модел кој опфаќа неколку независни модули со заедничка математичка и програмска платформа. Корисниците на библиотеката ќе имаат можност за избор на повеќе од еден кориснички интерфејс.

Временска рамка:

Месеци 1–6: Правење преглед и споредбена анализа на алгоритмите и алатките кои се користат во областите на: а) парово и повеќекратно ДНК порамнување б) означување на гени в) експресија на гени и протеини г) алгоритми за препорака за колаборативна здравствена заштита.

Во оваа фаза ќе продолжи и нашето истражување на алгоритми за парово и повеќекратно ДНК порамнување, а ќе се направи и обид да се трансформираат нашите алгоритми за парово ДНК порамнување во алгоритми за повеќекратно ДНК порамнување.

Исто така во оваа фаза ќе се започне со софтверската библиотека, поточно со имплементирање на веќе постоечки алгоритми, а оваа постапка ќе продолжи и во наредните 3 фази.

Месеци 7–12: Продолжување на истражувањата поврзани со првата активност и со дизајн на нови алгоритми и нивно имплементирање.

Во оваа фаза се планира да се започне и со втората активност, а се продолжува и со работата на софтверската библиотека.

Месеци 13–18: Во оваа фаза ќе се започне со третата активност, а ќе продолжуваат истражувањата поврзани со првата и втората активност. Ќе се продолжи со дизајн и имплементирање на новите алгоритми, и со тоа ќе се комплетира софтверската библиотека.

Месеци 19–24: Научно–истражувачките резултати ќе бидат презентирани на пошироката јавност на неколку начини и тоа преку презентации на меѓународни и домашни конференции, а голем дел од резултатите ќе бидат публикувани како научни трудови во научни списанија.

На крајот на научно–истражувачкиот период ќе следи изработка на Извештај во кој ќе бидат прикажани сите достигнувања за време на истражувачкиот период.

Details of the proposal:

Introduction

Recent developments in genetics and protein structures produced a large amount of biological data that require advanced computational analysis. Computational biology or bioinformatics uses information techniques to analyze and interpret biological data. Currently in the field of bioinformatics there is an urgent need of algorithms for DNA alignment, search and clustering, as well as optimization of the existing ones. Namely, the time inefficiency has been the major disadvantage of current known local pairwise alignment techniques. Smith–Waterman's algorithm (T. SMITH & al. [1]) requires fixed $O(nm)$ time, identifying one optimal (score maximized alignment), allowing gaps insertion. Instead of finding one optimal alignment, M. WATERMAN and M. EGGERT [2] came up with an idea of identifying k suboptimal local alignments. The main disadvantage of Waterman–Eggert's algorithm is again the nonlinear time complexity. In order to reduce the space complexity of Waterman–Eggert's algorithm, X. HUANG and W. MILLER [3] in 1991 presented a linear space solution of Waterman–Eggert's algorithm, being until then the space cheapest local alignment technique. Newly heuristic ultrafast solutions, such as: FASTA (D. LIPMAN & al. [4]) and BLAST (S. ALTSCHUL & al. [5]), are applicable for fast search of large genetic database, identifying similar sequences regarding referent sequence, not always finding the optimal solution.

There are many researches working on algorithms for better health care of patients and systems that will help to have continuous monitor of the health of the patients. Although all proposed algorithms have similarities, they are all different and have own unique features. Lee et al. [7] propose an intelligent mobile healthcare information system and algorithm with alerting. Jog Falls system [8] is an end to end system to manage diabetes that blends activity and energy expenditure monitoring, diet-logging, and analysis of health data for patients and physicians. MediNet [9] personalizes the process of healthcare by generating personalized messages to the patients based on current and previous readings from monitoring devices connected to the patient, patient's profile, location, and the content and purpose of medical treatment. Despite this, we will propose an algorithm that will generate recommendation for a specific activity that user should perform in order to improve his health. The recommendation will be based on users' given health condition and set of knowledge derived from the history of the user and users like him.

Due to the computational drawbacks of the deterministic algorithms like gradient information, strong initial value dependency and huge enumeration memory requirements, meta-heuristic algorithms have been considered as a feasible alternative. Meta-heuristic algorithms can be observed as an iterative process which is using rules and randomness to enhance the candidate solution in order to find efficiently near-optimal solution. Some of the meta-heuristic algorithms employed to solve biomedical engineering problems are: Artificial Neural Network (ANN) [10], Genetic Algorithm (GA) [11], Particle Swarm Optimization (PSO) [12], Ant Colony Optimization (ACO) [13] and Simulated Annealing (SA) [14]. Recently, Geem et al. [15] has proposed a new harmony search (HS) meta-heuristic algorithm for solving optimization problems. Comparing HS to other meta-heuristic algorithms, it has been proven that the HS algorithm performs better considering the concepts of diversification and intensification. This means that HS has a randomization phase that is more efficient in exploring the search space, whilst not going too far from the possible good solutions and avoids converging to local optimal solutions. We will work on definition of a novel and more optimal alternative of this algorithm for solving biomedical problems.

- [16] T. SMITH, M. WATERMAN, Identification of common molecular subsequences. *Journal of Molecular Biology*, 147(1), 195, 197 (1981).
- [17] M. WATERMAN, M. EGGERT, A new algorithm for best subsequence alignments with application to tRNA-rRNA comparisons. *Journal of Molecular Biology*, 197, 723, 728 (1987).
- [18] X. HUANG, W. MILLER, A time-efficient, linear-space local similarity algorithm. *Advances in Applied Mathematics*, 12, 337, 357 (1991).
- [19] D. LIPMAN, W. PEARSON, Rapid and sensitive protein similarity searches. *Science*, 227(4693), 1435, 1441 (1985).
- [20] S. ALTSCHUL, W. GISH, W. MILLER, E. MYERS, D. LIPMAN, Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403, 410 (1990).
- [21] D. STOJANOV, A. MILEVA, S. KOCESKI, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology. *Advanced Studies in Biology*, 4(2), 85, 93 (2012).
- [22] [7] Lee, R.G., Chen, K.C., Hsiao, C.C., Tseng C.L.: A Mobile Care System With Alert Mechanism. *Trans. Info. Tech. Biomed*, Vol.11, No.5, 507-517. (2007)
- [23] [8] Nachman, L., Baxi, A., Bhattacharya, S., Darera, V.: Jog Falls: A Pervasive Healthcare Platform for Diabetes Management. *Pervasive Computing*, Vol. 6030, 94–111. (2010)
- [24] [9] Mohan, P., Marin, D., Sultan, S., Deen, A.: MediNet: Personalizing the Self-Care Process for Patients with Diabetes and Cardiovascular Disease Using Mobile Telephony. In *Proc. 30th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, Vancouver, Canada, 755-758. (2008)
- [25] Ahmadlou, Mehran, and Hojjat Adeli. "Enhanced probabilistic neural network with local decision circles: A robust classifier." *Integrated Computer-Aided Engineering* 17, no. 3 (2010): 197-210.
- [26] Guo, Pengfei, Xuezhi Wang, and Yingshi Han. "The enhanced genetic algorithms for the optimization design." In *Biomedical Engineering and Informatics (BMEI)*, 2010 3rd International Conference on, vol. 7, pp. 2990-2994. IEEE, 2010.
- [27] Parsopoulos, Konstantinos E., and Michael N. Vrahatis. *Particle swarm optimization and intelligence: advances and applications*. Hershey: Information Science Reference, 2010.
- [28] Chandra Mohan, B., and R. Baskaran. "A survey: Ant Colony Optimization based recent research and implementation on several engineering domain." *Expert Systems with Applications* (2011).
- [29] Sharma, Neeraj, Amit K. Ray, Shiru Sharma, K. K. Shukla, Lalit Aggarwal, and Satyajit Pradhan. "Segmentation of medical images using simulated annealing based fuzzy C Means algorithm." *International Journal of Biomedical Engineering and Technology* 2, no. 3 (2009): 260-278.
- [30] Geem, Z.W., Kim, J.H., Loganathan, G.V.: A new heuristic optimization algorithm: harmony search. *Simulation* 76, 60–68 (2001)

Research Project

In this project we plan to complete the following research activities within the indicated time frame.

1. *Development of a novel algorithm for DNA alignment, search and clustering.*

In recent years, several successful applications of data mining techniques for solving biological problems have been reported. Some examples of analyzing large data sets and inferring structure are: prediction of protein structure, gene classification, clustering of gene expression data, statistical modeling of protein-protein interaction, etc. Some common activities in bioinformatics that benefit from using information techniques are mapping and analyzing DNA and protein sequences, aligning DNA and protein sequences and creating 3-D models of protein structures.

Currently in the field of bioinformatics there is an urgent need of algorithms for DNA alignment, search and clustering, as well as optimization of the existing ones. In this activity, firstly we will try to develop and implement novel algorithms for DNA local pairwise alignment. Namely, the time inefficiency has been the major disadvantage of current known local pairwise alignment techniques. Despite the time complexity, space complexity is often found as a limiting factor when aligning large nucleotide sequences. In order to reduce space complexity of an alignment, methodology presented in (D. STOJANOV et al. [6]) represents each region of consecutive matching nucleotides with a triple, identifying region's length and starting positions at the sequences. Based on this representation, measurements performed in [6] clearly show that linear space is required, while the time complexity is $O(nm^2)$. Most of the time in [6] is wasted on examining all combinations of un-gapped local alignments within overlapping sections and the number of alignments being examined. When aligning similar nucleotide sequences, large regions of consecutive matching nucleotides are part of the optimal un-gapped local alignment. Also, the probability of finding an optimal un-gapped local alignment within m -nucleotides long overlapping sections is higher than the probability of finding it in overlapping sections with less than m nucleotides, where m is the length of the smaller nucleotide sequence, subject of an alignment.

Thus, the aim of this activity is development of fast local alignment generating methodology, requiring linear time and space – $O(m)$, when aligning approximately same size, similar nucleotide sequences.

We are going to work with data mining algorithms, that can be applied to gene finding, protein function domain detection, function motif detection, protein function inference, disease diagnosis, disease prognosis, disease treatment optimization, protein and gene interaction network reconstruction, etc.

2. *Development of a novel recommendation algorithm for collaborative health care*

The recent trend in healthcare support systems is the development of patient-centric pervasive environments in addition to the hospital-centric one. Pervasive health care takes steps to design, develop, and evaluate computer technologies that help citizens participate more closely in their own healthcare, on one hand, and on the other to provide flexibility in patients' active everyday life with work, family and friends. In the framework of this working package mathematical model of a novel algorithm that generates recommendations and suggestions for preventive intervention instead of emergency care and hospital admissions is planned to be developed. The main purpose of this algorithm is to find the dependence between users' health condition and performed physical activities. In this way, the proposed algorithm should generate recommendations that will help the user to adapt his physical activities in order to improve his own health. These recommendations should also encourage users to lead an active life filled with physical activities and thus become direct participants in maintaining their own health care.

The main purpose of this algorithm is to find the dependency of the users' health condition and physical activities they perform. The algorithm will incorporate collaboration and classification techniques in order to generate recommendations and suggestions for preventive intervention. To achieve this, we will consider datasets from the health history of users and use classification algorithms on these datasets for grouping the users based on their similarity. Use of classified data when generating the recommendation provides more relevant recommendations, because they are enacted on knowledge for users with similar medical conditions and

reference parameters.

There are a number of parameters that might be used to characterize a person. They are all mainly continuous variables and they are measured with (near) continuous resolution. On the other hand, the bio-medical parameters and phenomena are often too complex and too little understood to be modelled analytically. Because of its continuous nature, the fuzzy systems are very close to the medical reality and at the same time, fuzzy sets allow natural description of bio-medical variables using symbolic models and their formalisms, avoiding the analytical modelling.

Therefore, in our algorithm, fuzzy sets and fuzzy discretization will be considered as a suitable approach that can bridge the gap between the discrete way reasoning in the IT systems and the continuity of biomedical parameters. The proposed algorithm will be implemented within the library and validated using generic data. The results of this validation will be presented and conclusions will be derived.

3. Implementation of meta-heuristic algorithms for biomedical engineering applications

In this action several meta-heuristic algorithms will be implemented with emphasis on their application in solving optimization biomedical engineering problems. The following algorithms will be developed: genetic algorithms, ant-colony, particle swarm optimization and harmony search.

Genetic algorithm (GA) is a search heuristic that mimics the process of natural evolution. This heuristic is routinely used to generate useful solutions to optimization and search problems. Genetic algorithms belong to the larger class of evolutionary algorithms (EA), which generate solutions to optimization problems using techniques inspired by natural evolution, such as inheritance, mutation, selection, and crossover.

Ant colony optimization algorithm (ACO) is a probabilistic technique for solving computational problems which can be reduced to finding good paths through graphs. This algorithm is a member of the ant colony algorithms family, in swarm intelligence methods, and it constitutes some metaheuristic optimizations. The initial idea was aiming to search for an optimal path in a graph, based on the behavior of ants seeking a path between their colony and a source of food. The original idea has since diversified to solve a wider class of numerical problems, and as a result, several problems have emerged, drawing on various aspects of the behavior of ants. Particle swarm optimization (PSO) is a computational method that optimizes a problem by iteratively trying to improve a candidate solution with regard to a given measure of quality. PSO optimizes a problem by having a population of candidate solutions, here dubbed particles, and moving these particles around in the search-space according to simple mathematical formulae over the particle's position and velocity. Each particle's movement is influenced by its local best known position and is also guided toward the best known positions in the search-space, which are updated as better positions are found by other particles. This is expected to move the swarm toward the best solutions.

Harmony search (HS) is a phenomenon-mimicking algorithm inspired by the improvisation process of musicians. Nowadays, music-inspired phenomenon-mimicking harmony search algorithm is fast growing with many applications. One of key success factors of the algorithm is the employment of a novel stochastic derivative which can be used even for discrete variables. Instead of traditional calculus-based gradient, the algorithm utilizes musician's experience as a derivative in searching for an optimal solution. This can be a new paradigm and main reason in the successes of various applications.

4. Design and implementation of software library for biomedical applications

The last activity of this project foresees implementation of all the previously developed algorithms and their integration into a single software library. In this activity the architecture of the library will be designed first. Two architecture models will be evaluated: three-tier and MVC as possible solutions. The main aim of this activity will be to produce an architecture model that will enable plug-and-play possibilities for various independent modules implementing various algorithms and providing the same mathematical foundation for all of them. Moreover, the library will be designed so, that it will enable various interfaces towards the end-users applications.

Timeframe for conducting the specified research activities:

Months 1–6: Making a survey and comparative analysis of existing algorithms and tools for: a) pair and multiple DNA alignment b) marking of the genes c) expression of the genes and proteins d) recommendation algorithms for collaborative health care.

In this phase, our research on algorithms for pair and multiple DNA alignment will continue, and we will try to transform our algorithms for DNA alignment in algorithms for multiple DNA alignment.

Also in this phase, we will begin with creation of the software library, or more precisely with implementing of existing algorithms, and this process will continue in following 3 phases.

Months 7–12: We will continue with the research in the first activity and the design and implementation of new developed algorithms. In this phase we will begin with the second activity, and we will continue our work on software library.

Months 13–18: In this phase, the third activity will begin, and the research for the first and second activity will continue. We will design and implement new algorithms, so the implementation of the software library will be completed.

Months 19–24: Scientific results will be presented to the public in several ways, through presentations on the international and home conferences, and papers in journals. At the end, we will produce a Report for all our achievements in the research period.

Главен истражувач:

Име и презиме	Александра Милева
Титула	Доктор на информатички науки
Позиција	Доцент
Адреса	Крсте Мисирков бб, Штип, Р. Македонија
Тел / Факс:	00 389 32 550 106
e-mail	aleksandra.mileva@ugd.edu.mk

Кратка биографија:

Образование:

- Доктор на информатички науки, Институт за информатика, ПМФ, УКИМ, 2010.
- Магистер на информатички науки, Институт за информатика, ПМФ, УКИМ, 2004.
- Дипломиран инженер по информатика, Институт за информатика, ПМФ, УКИМ, 1998.

Работно искуство:

- Доцент на Факултет за информатика при УГД, Штип, 2010 -
- Асистент на Факултет за информатика при УГД, Штип, 2007-2010
- Асистент на Рударско-геолошки факултет при УКИМ, Штип, 2005-2007
- Помлад асистент на Рударско-геолошки факултет при УКИМ, Штип 2001-2005
- Демонстратор на Институт за информатика, ПМФ при УКИМ, Скопје, 1999-2001

Членство во професионални асоцијации:

- IEEE
- ICT-АСТ, Македонија

Поле на научен интерес:

- Криптографија
- Компјутерска безбедност и безбедност на мрежи
- Теорија на квазигрупи
- Биоинформатика
- Дигитално процесирање на слики

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

- [1] Stojanov, Done, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [2] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2012) Shapeless quasigroup derived by Feistel orthomorphisms. *Glasnik Matematiki*, 47 (2), 333-349. ISSN 0017-095X (IF (2011) = **0.302**)
- [3] Stojanovic, Igor, Markovski, Smile, Martinovska, Cveta, and Mileva, Aleksandra (2012). Application of the progressive wavelet correlation for image recognition and retrieval from the collection of images. *TTEM – Technics Technologies Education Management* 7(4), 1550-1560. ISSN 1840-1503 (IF (2011) = **0.351**)
- [4] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2012) Quasigroup representation of some Feistel and Generalized Feistel ciphers. *ICT Innovations 2012*, Springer (in print)
- [5] Stojanov, Done, Mileva, Aleksandra, and Koceski, Saso, (2012) A new, space-efficient local pairwise alignment methodology. *Advanced Studies in Biology*, 4 (2), 85 – 93, ISSN 1313-9495
- [6] Stojanovic, Igor, Mileva, Aleksandra, Stojanovic, Dragana, and Kraljevski, Ivan (2012). Image recognition by using the Progressive Wavelet Correlation. *International Journal of Image, Graphics and Signal Processing* 4 (9), 1-7, ISSN 2074-9082.

- [7] Zlatkovski, Dragi, Šuteva, Natasa, and Mileva, Aleksandra (2012). SQL Injection test system for students. *Proceedings of the 9th International Conference for Informatics and Information Technology* (pp. 234-236), Bitola.
- [8] Bikov, Dusan, Stojanova, Aleksandra, and Mileva, Aleksandra (2012). Software tools for learning "Computer Security" course. In *Proceedings of TIO 2012 1* (pp. 178-184), Čačak.
- [9] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2010). On the Prop Ratio Tables of Extended Feistel Networks and Their Quasigroups. *Math. Maced.* 8, pp. 53-59, ISSN 1409-9721.
- [10] Mileva, Aleksandra (2010). Cryptographic Primitives with Quasigroup Transformations. "SEE Young Researchers Workshop" from TEMPUS Project SEE Doctoral Studies in Mathematical Sciences (144703-TEMPUS-2008-BA-TEMPUS-JPCR). *Mathematica Balcanica* 24, Fasc.3-4, pp. 207-216.
- [11] Markovski, Smile, and Mileva, Aleksandra (2009). Generating huge quasigroups from small non-linear bijections via extended Feistel network. *Quasigroups and related systems* 17(1), pp. 91-106, ISSN 1561-2848.
- [12] Dimitrova Vesna, Markovski, Smile, and Mileva, Aleksandra (2009). Periodic quasigroup string transformations. *Quasigroups and related systems* 17(2), pp. 191-204, ISSN 1561-2848.
- [13] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2009). Quasigroup string transformations and hash function design. A case study: the NaSHA hash function. In D. Davcev & J. M. Gomez (Eds.) *ICT Innovations 2009* (pp. 367-376), Springer Berlin Heidelberg.
- [14] Mileva, Aleksandra, and Dimitrova, Vesna (2009). Quasigroups constructed from complete mappings of a group (\mathbb{Z}_2^n, \oplus) . *Contributions, Sec. Math. Tech. Sci. MANU*, XXX, 1-2, pp. 75-93, ISSN 0351-3246.
- [15] Markovski Smile, and Mileva Aleksandra (2009). NaSHA - cryptographic hash functions. NIST First SHA-3 Candidate Conference, Leuven, Belgium. Retrieved January 30, 2013 from <http://csrc.nist.gov/groups/ST/hash/sha-3/Round1/documents/NaSHAUpdate.zip>.
- [16] Markovski, Smile, Mileva, Aleksandra, Dimitrova, Vesna, and Gligoroski, Danilo (2009). On a Conditional Collision Attack on NaSHA-512. *IACR Cryptology ePrint Archive*, Report 2009: 034.

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)
МАТИНД – Балканска и Источно-европска мрежа за ширење на експерт-иза од математика за индустрија	2001 - 2003	Европска комисија IST проект	Учесник

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 1–6: Ќе учествува во правењето на преглед и споредбена анализа на алгоритмите и алатките кои се користат а) парово и повеќекратно ДНК порамнување б) алгоритми за препорака на колаборативна здравствена заштита.

Месеци 7–18:

- креирање на алгоритам за парово ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за повеќекратно ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за препорака на колаборативна здравствена заштита
- креирање на нови мета-хевристични алгоритми за биомедицински апликации
- евалуација, класификација и споредба на новодобиените алгоритми
- имплементација на новите алгоритми

Месеци 19–24: Пишување на научни трудови во кои ќе бидат изложени добиените научни резултати, нивно доставување за печатење во меѓународни научни списанија и нивно презентирање на научни конференции. Изработка на крајниот Извештај.

Истражувач: (приложете посебен формулар за секој истражувач вклучен во проектот)

Име и презиме	Сашо Коцески
Титула	Доктор на технички науки
Позиција	Доцент
Адреса	Крсте Мисирков бб, Штип, Р. Македонија
Тел / Факс:	00 389 32 550 124
e-mail	saso.koceski@ugd.edu.mk

Кратка биографија:

Образование:

- Доктор на технички науки, Универзитет L'Aquila, Италија, 2008.
- Магистер на компјутерски науки, ФЕИТ, УКИМ, 2001.
- Дипломиран електро инженер, ФЕИТ, УКИМ, 2000.

Работно искуство:

- Доцент на Факултет за информатика при УГД, Штип, 2009 -
- Помлад истражувач, Факултет за инженерство, Универзитет L'Aquila, Италија, 2005-2009
- Истражувач, МАНУ, 2001/02

Членство во професионални асоцијации:

- EUropean RObotics research Network (EURON)
- European Robotics Technology Platform (EUROP)

Поле на научен интерес:

- Роботика и интелигентни системи
- Биоинформатика
- Моделирање и симулација
- Компјутерска графика и визуелизација

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

- [1] Koceski, Saso and Koceska, Natasa and Kocev, Ivica (2012) Design and Evaluation of Cell Phone Pointing Interface for Robot Control. Int J Adv Robotic Sy, 9 (135). ISSN 1729-8806 (IF (2011) = **0.375**)
- [2] Natasa Koceska, Saso Koceski, Francesco Durante, Pierluigi Beomonte Zobel and Terenziano Raparelli (2013). Control Architecture of a 10 DOF Lower Limbs Exoskeleton for Gait Rehabilitation. Int J Adv Robotic Sy, 10, (68). ISSN 1729-8806 DOI: 10.5772/55032 (IF (2011) = **0.375**)
- [3] Stojanov, Done, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [4] J. Pop-Jordanov, N. Pop-Jordanova, S. Koceski, "EEG spectrum gravity as a preliminary arousal indicator and neurofeedback parameter", Neuroscience Letters, Volume 500, Supplement, July 2011, P. e33 doi:10.1016/j.neulet.2011.05.162 (Impact factor: **2.055**)
- [5] D. Stojanov, A. Mileva, S. Koceski, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology, *Advanced Studies in Biology*, Vol. 4, 2012, no. 2, 85 – 93, ISSN 1313-9495
- [6] Trajkovic, V., E. Vlahu-Gjorgievska, I. Kulev and S. Koceski, 2012. Providing collaborative algorithms support for personal health care. *Am. J. Bioinform.*, 1: 41-49. DOI: 10.3844/ajbsp.2012.41.49
- [7] Shteriev F., Koceska N., Koceski S., Software platform for visualization and evaluation of carpal tunnel syndrome, *Contributions, Sec. Biol. Med. Sci., MASA, XXXIII*, 1 (2012), ISSN 0351-3254
- [8] Natasa Koceska, Saso Koceski, Pierluigi Beomonte Zobel, Francesco Durante, Terenziano Raparelli, "Un prototipo di Gait Trainer", *Oleodinamica pneumatica lubrificazione*, ISSN 1122-5017, no. 5 (Maggio), 2011, p. 64-69
- [9] Natasa Koceska, Saso Koceski, Pierluigi Beomonte Zobel and Francesco Durante (2011).

Gait Training using Pneumatically Actuated Robot System, Advances in Robot Navigation, Alejandra Barrera (Ed.), ISBN: 978-953-307-346-0, InTech

- [10] S.Koceski, N.Koceska "Interaction between players of mobile phone game with augmented reality (AR) interface", 2nd International Conference in User Science and Engineering, 29 November - 2 December 2011, Selangor, Malaysia
- [11] O. Kotevska, E. Vlahu-Gjorgievska, V. Trajkovik, S. Koceski, "Towards a Patient-Centered Collaborative Health Care System Model", In the Proc. of the 4th IEEE International Conference on Computer Science and Information Technology, June 10-12 2011, Chengdu, China
- [12] S. Koceski, N. Koceska, "Vision-based Gesture Recognition for Human-Computer Interaction and Mobile Robot's Freight Ramp Control", Proc. Of 32nd IEEE International Conference on Information Technology Interfaces, June 21-24, Dubrovnik, Croatia 2010
- [13] S. Koceski, N. Koceska, P. B. Zobel, F. Durante "Real-Time Spline Trajectory Creation and Optimization for Mobile Robots", International Conference on Automation, Robotics and Control Systems, Orlando, USA, 2009, pages: 75-80, ISBN: 978-1-60651-008-7, Publisher: ISRST

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)
1. Video Conferencing Services for Education	2009-12	EU TEMPUS Project Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	Координатор
2. Applied research and Education in Bioengineering	2004-07	POI-Region Abruzzo, Italy	Учесник
3. Collaborative model for mobile system for prevention of increased blood sugar level	2011-12		Учесник

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 1–6: Ќе учествува во правењето на преглед и споредбена анализа на алгоритмите и алатките кои се користат а) парово и повеќекратно ДНК порамнување б) алгоритми за препорака на колаборативна здравствена заштита.

Месеци 7–18:

- креирање на алгоритам за парово ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за повеќекратно ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за препорака на колаборативна здравствена заштита
- креирање на нови мета-хевристични алгоритми за биомедицински апликации
- евалуација, класификација и споредба на новодобиените алгоритми
- имплементација на новите алгоритми

Месеци 19–24: Пишување на научни трудови во кои ќе бидат изложени добиените научни резултати, нивно доставување за печатење во меѓународни научни списанија и нивно презентирање на научни конференции. Изработка на крајниот Извештај.

Истражувач: (приложете посебен формулар за секој истражувач вклучен во проектот)

Име и презиме	Цвета Мартиновска Банде
Титула	Доктор на технички науки
Позиција	Вонреден професор
Адреса	Крсте Мисирков бб, Штип, Р. Македонија
Тел / Факс:	00 389 32 550 103
e-mail	cveta.martinovska@ugd.edu.mk

Кратка биографија:

Образование:

- Доктор на технички науки, ЕТФ, УКИМ, 1999-2004.
- Курсеви за когнитивна наука и интелигентни системи, Нов Бугарски Универзитет, 1996-1997.
- Магистер на техники науки, ЕТФ, УКИМ, 1990-1993.
- Дипломиран електро инженер, ЕТФ, УКИМ, 1984-1989.

Работно искуство:

- Вонреден професор на Факултет за информатика при УГД, Штип 2009-
- Доцент на Факултет за информатика при УГД, Штип 2007 – 2009.
- Доцент на Факултет за информатика при Европски универзитет, Скопје, 2005 – 2007.
- Главен инженер во Одделот на информатички технологии, Агенција за разузнавање, Скопје, 1999-2005.
- Програмер, ЈСП, Скопје, 1994-1996.
- Истражувач, ИЗИИС, УКИМ, 1990-1993.

Членство во професионални асоцијации:

- IEEE
- ICT-ACT, Македонија

Поле на научен интерес:

- Вештачка интелигенција
- Биоинформатика
- Податочни структури и алгоритми
- Дистрибуирани компјутерски системи

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

- [1] Stojanovic, Igor, Markovski, Smile, Martinovska, Cveta, and Mileva, Aleksandra (2012). Application of the progressive wavelet correlation for image recognition and retrieval from the collection of images. TTEM – Technics Technologies Education Management 7(4), 1550-1560. ISSN 1840-1503 (IF (2011) = **0.351**)
- [2] Tosheva, Sofija and Martinovska Cveta, (2012) *Adaptive E-learning System in Secondary Education*. International Journal of Emerging Technologies in Learning, 7 (1). pp. 36-41. ISSN 1863-0383
- [3] Teohareva Filipova, Biljana and Martinovska, Cveta (2012) *Analysing Customer Profiles using Data Mining Techniques*. Proceedings of the ITI 2012, 34th International Conference on Information Technology Interfaces. pp. 73-78. ISSN 1330-1012
- [4] Martinovska, Cveta and Nedelkovski, Igor and Klekovska, Mimoza and Kaevski, Dragan (2012) *Recognition of Old Cyrillic Slavic Letters: Decision Tree Versus Fuzzy Classifier Experiments*. In: Proceedings of 2012 IEEE 6th Int. Conf. on Intelligent Systems. Catalog Number CFP12802-PRT, 1 . IEEE Conference Publishing, pp. 48-53. ISBN 978-1-4673-2277-5
- [5] Martinovska, Cveta and Igor, Nedelkovski and Mimoza, Klekovska and Dragan, Kaevski (2012) *Fuzzy Classifier for Church Cyrillic Handwritten Characters*. In: Proc. of 14th Int. Conf. on Enterprise Information Systems. SciTePress – Science and Technology Publications,

- [6] Martinovska, Cveta (2010) *Conceptual Clustering and Analysis of Data from Gynecological Database*. In: *ICT Innovations 2009*. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, pp. 45-54. ISBN 978-3-642-10780-1
- [7] Martinovska C, Maksimova N, Gacovski Z, (2010) *A Fuzzy-Based Approach to Selecting Successful Contractor for Public Procurement*, *Proc. of the 2 Int. Conf. Science and Technology in the Context of Sustainable Development, Ploesti*, pp. 33-40

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)
Video Conferencing Services for Education	2009-12	EU TEMPUS Project Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	Учесник
Designing and Implementing of the National Qualifications framework	2008-2009	EU TEMPUS Project Agreement Number 145165-TEMPUS-2008-SE-SMHES	Учесник
XPERO – Robotic learning by experimentation	2006-2009	EU FP6 project	Учесник

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 1–6: Ќе учествува во правење преглед и анализа на апликации за парово и повеќекратно порамнување на ДНК секвенци. Ќе биде вклучена во изработка на студија за примена на техниките за податочно рударење за решавање на проблеми во биоинформатика, кои опфаќаат предвидување на структура на протеини, класификација на гени, кластерирање на информации од генска експресија и статистичко моделирање на протеин-протеин интеракција.

Месеци 7–18:

- креирање на алгоритам за парово ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за повеќекратно ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за класификација и кластерирање на профили на генска експресија
- евалуација, класификација и споредба на новодобиените алгоритми
- имплементација на новите алгоритми

Месеци 19–24: Публикување на добиените резултатите од истражувањата во меѓународни списанија и презентирање на научни собири и конференции. Изработка на крајниот Извештај.

Истражувач: (приложете посебен формулар за секој истражувач вклучен во проектот)

Име и презиме	Владимир Трајковиќ
Титула	Доктор на технички науки
Позиција	Вонреден професор
Адреса	Руѓер Бошковиќ, 16, факс 393, Скопје, Р. Македонија
Тел / Факс:	+38970333101
e-mail	trvlado@gmail.com

Кратка биографија:

Образование:

- Доктор на технички науки, ФЕИТ, УКИМ, 2003.
- Магистер на технички науки, ФЕИТ, УКИМ, 1997.
- Дипломиран електро инженер, ФЕИТ, УКИМ, 1994.

Работно искуство:

- Продекан за наука и соработка, вонреден професор на Факултет за информатички науки и компјутерско инженерство при УКИМ, Скопје, 2011-
- Вонреден професор на ФЕИТ при УКИМ, Скопје, 2008-
- Доцент на ФЕИТ при УКИМ, Скопје, 2004 – 2008.
- Асистент на ФЕИТ при УКИМ, Скопје, 1997 – 2004.

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

- [1] Vladimir Trajkovic, Elena Vlahu-Gjorgievska, Igor Kulev, "Use of collaboration techniques and classification algorithms in personal healthcare", Health and Technology International Journal , IUPESM and Springer Verlag, Vol2, No 1, ISSN: 2190-7188, e-ISSN: 2190-7196, pp.43-55, April 2012, (DOI) 10.1007/s12553-012-0015-6,
- [2] Vladimir Trajkovic , Elena Vlahu-Gjorgievska , Igor Kulev, Saso Koceski, "Providing Collaborative Algorithms Support for Personal Health Care", American Journal of Bioinformatics, Science Publications, Vol.1, Issue 2, ISSN:1948-9862, e-ISSN: 1948-9870, pp. 41-49, March 2012, (DOI) 10.3844/ajbsp.2012.41.49
- [3] Toni Malinovski, Tatjana Vasileva Stojanovska, Vladimir Trajkovic, "QoE measurement in E-learning systems based on a videoconferencing platform", International Journal of Research and Reviews in Next Generation Networks (IJRRNGN),Vol. 1, No. 2, ISSN: 2046-6897, pp.59-66, December 2011
- [4] Jugoslav Achkoski, Vladimir Trajkovic, Metodija Dojchinovski, "An Intelligence Information System based on Service-Oriented Architecture: A Survey of Security Issues", Information & Security: An International Journal, vol. 27 ISSN: 0861-5160, pp. 91-111, 2011
- [5] Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovic, "Personal Healthcare System Model using Collaborative filtering techniques", International Journal of Research and Innovation - Advances in Information Sciences and Service Sciences, Vol. 3, No 3, ISSN: 1976-3700, pp.64-74, April 2011
- [6] Biljana Stojkoska, Danco Davcev, Trajkovic Vladimir, "N-Queens based Algorithm for Moving Object Detection in Distributed Wireless Sensor Networks", in Journal of Computing and Information Technology (CIT), Vol. 16, no 4, ISSN: 1330-1136, pp.325-332, December 2008
- [7] Vladimir Trajkovic, Slogana Gligorovska, Danco Davcev , "Mobile Virtual Blackboard", IADIS International Journal on Computer Science and Information System, Volume II, Number 2, ISSN: 1646-3692 , pp.83-98, October 2007
- [8] Blerim Mustafa, Vladimir Trajkovic, Danco Davcev, "Missing Data Correction In Still Images Using Multi-Resolution Analysis" In Journal of Computing and Information Technology (CIT), Vol. 15, No 1, ISSN: 1330-1136, pp. 1-5, March 2007
- [9] Georgi Kosev, Sonja Gievska, Vladimir Trajkovic, "Motivational and Interruption tradeoffs in a Mobile Wellness-promoting Application", ACM conference Mobile HCI 2011, Stocholm, Sweden, August 30-September 2, 2011,
- [10] Sonja Gievska, Vladimir Trajkovic, "Evaluation of Context-aware Coordination of Interruptions in Mobile Applications", 7th International Conference on Intelligent Environments 2011 (WISHWell 2011 Workshop), Nottingham, UK, July 25-26, 2011,

- [11] Jugoslav Ackoski, Vladimir Trajkovik, "Intelligence Information System (IIS) with SOA-based Information Systems", 33rd International Conference on Information Technology Interfaces (ITI), Cavtat / Dubrovnik, Croatia, June 27-30, 2011,
- [12] Jadranka Nikolovska, Vladimir Trajkovik, "Communication Enabled Business Processes: Case study on ATM Credit Card Limit Request Services", 33rd International Conference on Information Technology Interfaces (ITI), Cavtat / Dubrovnik, Croatia, June 27-30, 2011,
- [13] Nevenka Kiteva-Rogleva, Vangel Fustic, Vladimir Trajkovik, "Risk Management Methods for Service Oriented Architecture Implementation in Electric Power System", IASTED International Conference Power and Energy System (EuroPES 2011), Crete, Greece, pages 40-45, June 22-24, 2011,
- [14] Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovik, "Towards Collaborative Health Care System Model – COHESY", 3th IEEE Workshop on Interdisciplinary Research on E-health Services and Systems (IEEE IREHSS 2011), Lucca, Italy, June 20-24, 2011,
- [15] Olivera Kotevska, Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovik, Saso Koceski, "Towards a Patient-Centered Collaborative Health Care System Model", 4th IEEE International Conference on Computer Science and Information Technology (IEEE ICCSIT 2011), Chengdu, China, June 10-12, 2011,
- [16] Vlahu-Gjorgievska, E., Kotevska O., and Trajkovik, V., 2011, "Collaboration Model within Personal Healthcare System", In Proceedings of 5th International Conference of Information systems and Grid technologies, Sofia, Bulgaria, May 2011,

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)
Collaborative model for mobile system for prevention of increased blood sugar level	2012	Faculty of Computer Science and Engineering	PI
Location Based Mobile Collaboration Services	2011	Faculty of Engineering technologies and Information Systems	PI
Interoperability Application in Collaborative Information Systems	2011	Ministry of Education of R. Macedonia and NEOKOM - Skopje	PI
Video Conferencing Services for Education	15.01.2009 – 14.01.2012	EU TEMPUS, Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	PI
Study - ICT standards and best practices for Local e-Government for South Eastern Europe	2009	NALAS (network of associations of local authorities in South Eastern Europe)	PI
Realization of Portal based Project Management Systems	2009	Ministry of Education of R. Macedonia and Aspekt - Skopje	PI
Integration of Mobile Services in Information Portals in R.Macedonia	2008	Ministry of Education of R.Macedonia and EuroNetCom - Skopje	PI
Indexing and Retrieval of 3D objects in MPEG-7	2006/2007	IntegraFM French-Macedonian program	Participant
SCORE – Strengthening the Strategic Co-Operation between the EU and Western Balkan Region in the field of ICT Research	2007/2009	FP6 Specific Support Action project	Participant
Virtual Digital Library	2003/2004	TEMPUS UM JEP 16155-2001	Participant
Wireless Services for strengthening of student services	2004/2005	TEMPUS UM JEP 17045-2003	Participant

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 7–12:

- креирање на алгоритам за препорака на колаборативна здравствена заштита
- евалуација, класификација и споредба на новодобиените алгоритми
- имплементација на новите алгоритми

Месеци 19–24: Пишување на научни трудови во кои ќе бидат изложени добиените научни резултати, нивно доставување за печатење во меѓународни научни списанија и нивно презентирање на научни конференции. Изработка на крајниот Извештај.

Млад истражувач: (приложете посебен формулар за секој млад истражувач вклучен во проектот)

Име и презиме	Доне Стојанов
Титула	Магистер на електротехника и информатички технологии
Позиција	Асистент
Адреса	Крсте Мисирков, бб, Штип, Р. Македонија
Тел / Факс:	00 38932550134
e-mail	done.stojanov@ugd.edu.mk

Кратка биографија:

Роден е на 15.01.1985 во Струмица. Во 2008 дипломирал на Факултет за електротехника и информациски технологии, Скопје. Во 2010 година се здобива со титула Магистер на софтверско инженерство, бранејќи ја темата, **"Биоинформатичка анализа на постоечки и нови модели на протеини"**. Од септември 2011 работи како помлад асистент на Факултетот за информатика при УГД - Штип.

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

- [1] **Stojanov, Done**, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [2] **D. Stojanov**, A. Mileva, S. Koceski, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology, *Advanced Studies in Biology*, Vol. 4, 2012, no. 2, 85 – 93, ISSN 1313-9495
- [3] **Stojanov, Done (2012)**. IC: Intelligent Clustering, a new time efficient data partitioning methodology. *International Journal of Computer Science and Information Technologies*, 3 (5). pp. 5065-5067. ISSN 0975-9646
- [4] **Stojanov, Done** and Cekerovski, Todor and Suteva, Gabriela (2012). Technically Supported Bioinformatical Education. In *Proceedings of TIO 2012 2* (pp. 595-598), Čačak.
- [5] **Stojanov, Done** (2012). TUNING PID CONTROLLING PARAMETERS FOR DC MOTOR SPEED REGULATION. *Yearbook of the Faculty of Computer Science*.
- [6] **Stojanov, Done** and Cveta Martinovska (2012). TIME COMPLEXITY IMPROVEMENT OF THE FIRST PROCESSING STAGE OF THE INTELLIGENT CLUSTERING. *Yearbook of the Faculty of Computer Science*.
- [7] **Stojanov, Done** (2011). Аспекти на применливост на далечинско учење. In: Меѓународен научно-стручен собир, „Образованието во 21-от век“, 09.12.2011, Битола.

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)

Изработка на докторски труд – наслов:

Алгоритми за порамнување на ДНК секвенци

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 1–6: Ќе учествува во правењето на преглед и споредбена анализа на алгоритмите и алатките кои се користат за парово и повеќекратно ДНК порамнување.

Ќе продолжи со досегашното истражување на алгоритмите за парово и повеќекратно ДНК порамнување.

Месеци 7–18:

- креирање на алгоритам за парово ДНК порамнување
- креирање на алгоритам за повеќекратно ДНК порамнување
- имплементирање, евалуација и споредба на новодобиените алгоритми
- креирање на веб апликација за новите алгоритми за ДНК порамнување

Месеци 19–24: Пишување на научни трудови во кои ќе бидат изложени добиените научни резултати, нивно доставување за печатење во меѓународни научни списанија и нивно презентирање на научни конференции. Се очекува дека во рамките на овој проект ќе бидат добиени поголем дел од резултатите за неговиот докторски труд.

Млад истражувач: (приложете посебен формулар за секој млад истражувач вклучен во проектот)

Име и презиме	Марија Калејска
Титула	Дипломиран инженер по информатика
Позиција	Студент на втор циклус
Адреса	Крсте Мисирков, бб, Штип, Р. Македонија
Тел / Факс:	00 38978493234
e-mail	marija.kalejska@ugd.edu.mk

Кратка биографија:

Родена е на 16.02.1990 во Штип. Дипломирала на Факултетот за информатика при УГД во 2012 година. Во октомври 2012 се запишува на постдипломски студии, модул Интелигентни веб технологии, и покажува посебен интерес кон биоинформатиката.

Трудови објавени во последните 5 години во стручни списанија кои се наоѓаат на меѓународно признатата листа СЦИ (SCI - Science citation index), со назначен импакт фактор за секој труд:

Учество во научноистражувачки проекти:

Наслов на проектот	Период	Финансиран од:	Улога во проектот (главен истражувач или учесник)

Изработка на магистерски труд – наслов:

Примена на техники на податочно рударење во биоинформатиката

Задолженија во предлог-проектот со временска рамка:

Месеци 1–6: Ќе учествува во правење преглед и анализа на апликации за парово и повеќекратно порамнување на ДНК секвенци. Ќе биде вклучена во изработка на студија за примена на техниките за податочно рударење за решавање на проблеми во биоинформатика, кои опфаќаат предвидување на структура на протеини, класификација на гени, кластерирање на информации од генска експресија и статистичко моделирање на протеин-протеин интеракција.

Месеци 7–18:

- евалуација, класификација и споредба на различните биоинформатички алгоритми кои користат техники на податочно рударење
- имплементација на постоечките и новите алгоритми во софтверската библиотека

Месеци 19–24: Пишување на научни трудови во кои ќе бидат изложени добиените научни резултати, нивно доставување за печатење во меѓународни научни списанија и нивно презентирање на научни конференции. Се очекува дека во рамките на овој проект ќе бидат добиени поголем дел од резултатите за нејзиниот магистерски труд.

Researchers:

Principal researcher

Name Surname	Aleksandra Mileva
Title	PhD of computer science
Position	Assistant professor
Address	Krste Misirkov b.b., 2000 Stip, R. Macedonia
Tel./Fax.	00 389 32 550 106
e-mail	aleksandra.mileva@ugd.edu.mk

Short CV:

Education:

- PhD of computer science, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Faculty of Natural Sciences, 2010.
- Master of computer science, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Faculty of Natural Sciences, 2004.
- Graduated engineer of computer science, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Faculty of Natural Sciences, 1998.

Working positions:

- Assistant Professor at Faculty of computer science at Univ. "Goce Delcev", Štip, 2010 -
- Teaching and research assistant at Faculty of computer science at Univ. "Goce Delcev", Štip, 2007-2010
- Teaching and research assistant at Faculty of mining and geology at Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Štip, 2005-2007
- Younger assistant at Faculty of mining and geology at Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Štip, 2001-2005
- Demonstrator at Faculty of Natural Sciences at Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Skopje, 1999-2001

Membership in professional associations:

- IEEE
- ICT-ACT, Macedonia

Scientifically-research fields of interest:

- Cryptography
- Computer and network security
- Theory of quasigroups
- Bioinformatics
- Digital Image Processing

Scientific papers published in the last 5 years in SCI - Science citation index, indicating the impact factor

- [1] Stojanov, Done, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [2] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2012) Shapeless quasigroup derived by Feistel orthomorphisms. *Glasnik Matematicki*, 47 (2), 333-349. ISSN 0017-095X (IF (2011) = **0.302**)
- [3] Stojanovic, Igor, Markovski, Smile, Martinovska, Cveta, and Mileva, Aleksandra (2012). Application of the progressive wavelet correlation for image recognition and retrieval from the collection of images. *TTEM – Technics Technologies Education Management* 7(4), 1550-1560. ISSN 1840-1503 (IF (2011) = **0.351**)
- [4] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2012) Quasigroup representation of some Feistel and Generalized Feistel ciphers. *ICT Innovations 2012*, Springer (in print)
- [5] Stojanov, Done, Mileva, Aleksandra, and Koceski, Saso, (2012) A new, space-efficient local pairwise alignment methodology. *Advanced Studies in Biology*, 4 (2), 85 – 93, ISSN 1313-9495

- [6] Stojanovic, Igor, Mileva, Aleksandra, Stojanovic, Dragana, and Kraljevski, Ivan (2012). Image recognition by using the Progressive Wavelet Correlation. *International Journal of Image, Graphics and Signal Processing* 4 (9), 1-7, ISSN 2074-9082.
- [7] Zlatkovski, Dragi, Šuteva, Natasa, and Mileva, Aleksandra (2012). SQL Injection test system for students. *Proceedings of the 9th International Conference for Informatics and Information Technology* (pp. 234-236), Bitola.
- [8] Bikov, Dusan, Stojanova, Aleksandra, and Mileva, Aleksandra (2012). Software tools for learning "Computer Security" course. In *Proceedings of TIO 2012* 1 (pp. 178-184), Čačak.
- [9] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2010). On the Prop Ratio Tables of Extended Feistel Networks and Their Quasigroups. *Math. Maced.* 8, pp. 53-59, ISSN 1409-9721.
- [10] Mileva, Aleksandra (2010). Cryptographic Primitives with Quasigroup Transformations. "SEE Young Researchers Workshop" from TEMPUS Project SEE Doctoral Studies in Mathematical Sciences (144703-TEMPUS-2008-BA-TEMPUS-JPCR). *Mathematica Balcanica* 24, Fasc.3-4, pp. 207-216.
- [11] Markovski, Smile, and Mileva, Aleksandra (2009). Generating huge quasigroups from small non-linear bijections via extended Feistel network. *Quasigroups and related systems* 17(1), pp. 91-106, ISSN 1561-2848.
- [12] Dimitrova Vesna, Markovski, Smile, and Mileva, Aleksandra (2009). Periodic quasigroup string transformations. *Quasigroups and related systems* 17(2), pp. 191-204, ISSN 1561-2848.
- [13] Mileva, Aleksandra, and Markovski, Smile (2009). Quasigroup string transformations and hash function design. A case study: the NaSHA hash function. In D. Davcev & J. M. Gomez (Eds.) *ICT Innovations 2009* (pp. 367-376), Springer Berlin Heidelberg.
- [14] Mileva, Aleksandra, and Dimitrova, Vesna (2009). Quasigroups constructed from complete mappings of a group (\mathbb{Z}_n^*, \oplus) . *Contributions, Sec. Math. Tech. Sci. MANU*, XXX, 1-2, pp. 75-93, ISSN 0351-3246.
- [15] Markovski Smile, and Mileva Aleksandra (2009). NaSHA - cryptographic hash functions. NIST First SHA-3 Candidate Conference, Leuven, Belgium. Retrieved January 30, 2013 from <http://csrc.nist.gov/groups/ST/hash/sha-3/Round1/documents/NaSHAUpdate.zip>.
- [16] Markovski, Smile, Mileva, Aleksandra, Dimitrova, Vesna, and Gligoroski, Danilo (2009). On a Conditional Collision Attack on NaSHA-512. *IACR Cryptology ePrint Archive*, Report 2009: 034.

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)
MATHIND- Balkan and East European network for diffusion of mathematics for industry expertise	2001 - 2003	European commission, IST project	Participant

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 1–6: She will participate in making a survey and comparative analysis of the algorithms and tools for a) pair and multiple DNA alignment b) recommendation algorithms for collaborative health care.

Months 7–18:

- design of algorithm for DNK sequence alignment
- design of algorithm for multiple DNK sequence alignment
- design of algorithm for recommendation algorithms for collaborative health care
- design of novel meta-heuristic algorithms for biomedical applications
- evaluation, classification and comparison of new algorithms
- implementation of new algorithms

Months 19–24: Writing of scientific papers with obtained scientific results, and their submission to journals or presentation to conferences. Writing of the final Report.

Senior Scientist/ Researcher

Name Surname	Saso Koceski
Title	PhD of technical science
Position	Assistant professor
Address	Krste Misirkov b.b., 2000 Stip, R. Macedonia
Tel./Fax.	00 389 32 550 124
e-mail	saso.koceski@ugd.edu.mk

Short CV:

Education:

- PhD of technical science, Univ. of L'Aquila, Italy, 2008.
- Master of computer science, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Faculty of electrical engineering and informatics technologies, 2001.
- Graduated electrical engineer, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Faculty of electrical engineering and informatics technologies, 2000.

Working positions:

- Assistant Professor at Faculty of computer science at Univ. "Goce Delcev", Stip, 2009 - ,
- Junior researcher, Faculty of Engineering at University of L'Aquila (Italy), 2005-2009
- Researcher, Macedonian academy of sciences and arts (MANU), 2001/02.

Membership in professional associations:

- European Robotics research Network (EURON)
- European Robotics Technology Platform (EUROP)

Scientifically-research fields of interest:

- Robotics and intelligent systems
- Bioinformatics
- Modelling and simulations
- Computer graphics and visualization

Scientific papers published in the last 5 years in SCI - Science citation index, indicating the impact factor

- [1] Koceski, Saso and Koceska, Natasa and Kocev, Ivica (2012) Design and Evaluation of Cell Phone Pointing Interface for Robot Control. Int J Adv Robotic Sy, 9 (135). ISSN 1729-8806 (IF (2011) = **0.375**)
- [2] Natasa Koceska, Saso Koceski, Francesco Durante, Pierluigi Beomonte Zobel and Terenziano Raparelli (2013). Control Architecture of a 10 DOF Lower Limbs Exoskeleton for Gait Rehabilitation. Int J Adv Robotic Sy, 10, (68). ISSN 1729-8806 DOI: 10.5772/55032 (IF (2011) = **0.375**)
- [3] Stojanov, Done, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [4] J. Pop-Jordanov, N. Pop-Jordanova, S. Koceski, "EEG spectrum gravity as a preliminary arousal indicator and neurofeedback parameter", Neuroscience Letters, Volume 500, Supplement, July 2011, P. e33 doi:10.1016/j.neulet.2011.05.162 (Impact factor: **2.055**)
- [5] D. Stojanov, A. Mileva, S. Koceski, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology, Advanced Studies in Biology, Vol. 4, 2012, no. 2, 85 – 93, ISSN 1313-9495
- [6] Trajkovik, V., E. Vlahu-Gjorgievska, I. Kulev and S. Koceski, 2012. Providing collaborative algorithms support for personal health care. Am. J. Bioinform., 1: 41-49. DOI: 10.3844/ajbsp.2012.41.49
- [7] Shteriev F., Koceska N., Koceski S., Software platform for visualization and evaluation of carpal tunnel syndrome, Contributions, Sec. Biol. Med. Sci., MASA, XXXIII, 1 (2012), ISSN 0351-3254
- [8] Natasa Koceska, Saso Koceski, Pierluigi Beomonte Zobel, Francesco Durante, Terenziano Raparelli, "Un prototipo di Gait Trainer", Oleodinamica pneumatica lubrificazione, ISSN 1122-5017, no. 5 (Maggio), 2011 , p. 64-69

- [9] Natasa Koceska, Saso Koceski, Pierluigi Beomonte Zobel and Francesco Durante (2011). Gait Training using Pneumatically Actuated Robot System, Advances in Robot Navigation, Alejandra Barrera (Ed.), ISBN: 978-953-307-346-0, InTech
- [10] S.Koceski, N.Koceska "Interaction between players of mobile phone game with augmented reality (AR) interface", 2nd International Conference in User Science and Engineering, 29 November - 2 December 2011, Selangor, Malaysia
- [11] O. Kotevska, E. Vlahu-Gjorgievska, V. Trajkovik, S. Koceski, "Towards a Patient-Centered Collaborative Health Care System Model", In the Proc. of the 4th IEEE International Conference on Computer Science and Information Technology, June 10-12 2011, Chengdu, China
- [12] S. Koceski, N. Koceska, "Vision-based Gesture Recognition for Human-Computer Interaction and Mobile Robot's Freight Ramp Control", Proc. Of 32nd IEEE International Conference on Information Technology Interfaces, June 21-24, Dubrovnik, Croatia 2010
- [13] S. Koceski, N. Koceska, P. B. Zobel, F. Durante "Real-Time Spline Trajectory Creation and Optimization for Mobile Robots", International Conference on Automation, Robotics and Control Systems, Orlando, USA, 2009, pages: 75-80, ISBN: 978-1-60651-008-7, Publisher: ISRST

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)
1. Video Conferencing Services for Education	2009-12	EU TEMPUS Project Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	Coordinator
2. Applied research and Education in Bioengineering	2004-07	POI-Region Abruzzo, Italy	Participant
3. Collaborative model for mobile system for prevention of increased blood sugar level	2011-12		Participant

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 1–6: He will participate in making a survey and comparative analysis of the algorithms and tools for a) pair and multiple DNA alignment b) recommendation algorithms for collaborative health care.

Months 7–18:

- design of algorithm for DNK sequence alignment
- design of algorithm for multiple DNK sequence alignment
- design of algorithm for recommendation algorithms for collaborative health care
- design of novel meta-heuristic algorithms for biomedical applications
- evaluation, classification and comparison of new algorithms
- implementation of new algorithms

Months 19–24: Writing of scientific papers with obtained scientific results, and their submission to journals or presentation to conferences. Writing of the final Report.

Senior Scientist/ Researcher

Name Surname	Cveta Martinovska Bande
Title	PhD in Computer Engineering
Position	Associate professor
Address	Krste Misirkov b.b., 2000 Stip, R. Macedonia
Tel./Fax.	00 389 32 500 103
e-mail	cveta.martinovska@ugd.edu.mk

Short CV:

Education:

- PhD in Computer Engineering, Univ. "Ss Cyril and Methodius", Electric Engineering Faculty, Skopje, 1999-2004.
- Courses in Cognitive Science and Intelligent Systems, New Bulgarian University, Sofia, Bulgaria, 1996-1997.
- MSc in Computer Engineering, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Electric Engineering Faculty, Skopje, 1990-1993.
- BSc in Computer Engineering, Univ. "Ss. Cyril and Methodius", Electric Engineering Faculty, Skopje, 1984-1989.

Working positions:

- Associate Professor at Computer Science Faculty, Univ. "Goce Delcev", Stip, 2009-present.
- Assistant Professor at Computer Science Faculty, Univ. "Goce Delcev", Stip, 2007 – 2009.
- Assistant Professor at Computer Science Faculty, European University, Skopje, 2005 – 2007.
- Senior Engineer in Information Technology Department, Intelligence Agency, Skopje, 1999-2005.
- Programmer, JSP – Skopje, 1994-1996.
- Research Assistant, "Institute of Earthquake Engineering and Engineering Seismology, Univ. "Ss Cyril and Methodius", 1990-1993.

Membership in professional associations:

- IEEE
- ICT-ACT, Macedonia

Scientifically-research fields of interest:

- Artificial intelligence
- Bioinformatics
- Data Structures and Algorithms
- Distributed Computer Systems

Scientific papers published in the last 5 years in SCI - Science citation index, indicating the impact factor

- [1] Stojanovic, Igor, Markovski, Smile, Martinovska, Cveta, and Mileva, Aleksandra (2012). Application of the progressive wavelet correlation for image recognition and retrieval from the collection of images. TTEM – Technics Technologies Education Management 7(4), 1550-1560. ISSN 1840-1503 (IF (2011) = **0.351**)
- [2] Tosheva, Sofija and Martinovska Cveta, (2012) *Adaptive E-learning System in Secondary Education*. International Journal of Emerging Technologies in Learning, 7 (1). pp. 36-41. ISSN 1863-0383
- [3] Teohareva Filipova, Biljana and Martinovska, Cveta (2012) *Analysing Customer Profiles using Data Mining Techniques*. Proceedings of the ITI 2012, 34th International Conference on Information Technology Interfaces. pp. 73-78. ISSN 1330-1012
- [4] Martinovska, Cveta and Nedelkovski, Igor and Klekovska, Mimoza and Kaevski, Dragan (2012) *Recognition of Old Cyrillic Slavic Letters: Decision Tree Versus Fuzzy Classifier Experiments*. In: Proceedings of 2012 IEEE 6th Int. Conf. on Intelligent Systems. Catalog

Number CFP12802-PRT, 1 . IEEE Conference Publishing, pp. 48-53. ISBN 978-1-4673-2277-5

- [5] Martinovska, Cveta and Igor, Nedelkovski and Mimoza, Klekovska and Dragan, Kaevski (2012) Fuzzy Classifier for Church Cyrillic Handwritten Characters. In: Proc. of 14th Int. Conf. on Enterprise Information Systems. SciTePress – Science and Technology Publications, Portugal, pp. 310-313. ISBN 978-989-8565-10-5
- [6] Martinovska, Cveta (2010) Conceptual Clustering and Analysis of Data from Gynecological Database. In: ICT Innovations 2009. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, pp. 45-54. ISBN 978-3-642-10780-1
- [7] Martinovska C, Maksimova N, Gacovski Z, (2010) A Fuzzy-Based Approach to Selecting Successful Contractor for Public Procurement, Proc. of the 2 Int. Conf. Science and Technology in the Context of Sustainable Development, Ploesti, pp. 33-40

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)
1. Video Conferencing Services for Education	2009-12	EU TEMPUS Project Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	Participant
2. Designing and Implementing of the National Qualifications framework	2008-2009	EU TEMPUS Project Agreement Number 145165-TEMPUS-2008-SE-SMHES	Participant
3. XPERO – Robotic learning by experimentation	2006-2009	EU FP6 project	Participant

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 1–6: She will participate in making a survey and analysis of the algorithms for pair and multiple DNA alignment. She will be involved in preparing a study for application of data mining techniques for solving biological problems, such as prediction of protein structure, gene classification, clustering of gene expression data and statistical modeling of protein-protein interaction.

Months 7–18:

- design of algorithm for DNK sequence alignment
- design of algorithm for multiple DNK sequence alignment
- design of algorithm for classification and clustering of gene expression profiles
- evaluation, classification and comparison of new algorithms
- implementation of new algorithms

Months 19–24: Publishing of the results achieved through the research process in international journals and giving presenting at conventions and conferences. Preparing of the final report.

Senior Scientist/ Researcher

Name Surname	Vladimir Trajkovik
Title	PhD in technical sciences
Position	Associate professor
Address	st. „Ruger Boskovik“ 16, fax 393, 1000 Skopje Macedonia
Tel./Fa .	+38970333101
e-mail	trvlado@gmail.com

Short CV:

Education:

- Ph.D. degree in Technical Sciences, Univ. “Ss. Cyril and Methodius”, Faculty of electrical engineering and informatics technologies, 2003
- MsC degree in Engineering Sciences, Univ. “Ss. Cyril and Methodius”, Faculty of electrical engineering and informatics technologies, 1997.
- BsC degree in Electrical Engineering, Univ. “Ss. Cyril and Methodius”, Faculty of electrical engineering and informatics technologies, 1994.

Working positions:

- Vice Dean for Science and Cooperation, Associate professor in Computer Science and IT, University "Ss Cyril and Methodius", Faculty of Computer Science and Engineering in Skopje, R.Macedonia , 2011 - ,
- Associate professor in Computer Science and IT, University "Ss Cyril and Methodius", Faculty of Computer Science and Engineering in Skopje, R.Macedonia , 2008-
- Assistant professor in Computer Science and IT, University "Ss Cyril and Methodius", Faculty of Computer Science and Engineering in Skopje, R.Macedonia , 2004-2008
- Research and teaching assistant in Computer Science and IT department, University "Ss Cyril and Methodius", Faculty of Computer Science and Engineering in Skopje, R.Macedonia , 1997-2004

Scientific papers published in the last 5 years, indicating the impact factor according to JSR database of Thomson Routers (if any) of the journals in which each paper was published

- [1] Vladimir Trajkovik, Elena Vlahu-Gjorgievska, Igor Kulev, "Use of collaboration techniques and classification algorithms in personal healthcare", Health and Technology International Journal, IUPESM and Springer Verlag, Vol2, No 1, ISSN: 2190-7188, e-ISSN: 2190-7196, pp.43-55, April 2012, (DOI) 10.1007/s12553-012-0015-6,
- [2] Vladimir Trajkovik, Elena Vlahu-Gjorgievska, Igor Kulev, Saso Koceski, "Providing Collaborative Algorithms Support for Personal Health Care", American Journal of Bioinformatics, Science Publications, Vol.1, Issue 2, ISSN:1948-9862, e-ISSN: 1948-9870, pp. 41-49, March 2012, (DOI) 10.3844/ajbsp.2012.41.49
- [3] Toni Malinovski, Tatjana Vasileva Stojanovska, Vladimir Trajkovik, "QoE measurement in E-learning systems based on a videoconferencing platform", International Journal of Research and Reviews in Next Generation Networks (IJRRNGN), Vol. 1, No. 2, ISSN: 2046-6897, pp.59-66, December 2011
- [4] Jugoslav Achkoski, Vladimir Trajkovik, Metodija Dojchinovski, "An Intelligence Information System based on Service-Oriented Architecture: A Survey of Security Issues", Information & Security: An International Journal, vol. 27 ISSN: 0861-5160, pp. 91-111, 2011
- [5] Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovik, "Personal Healthcare System Model using Collaborative filtering techniques", International Journal of Research and Innovation - Advances in Information Sciences and Service Sciences, Vol. 3, No 3, ISSN: 1976-3700, pp.64-74, April 2011
- [6] Biljana Stojkoska, Danco Davcev, Trajkovik Vladimir, "N-Queens based Algorithm for Moving Object Detection in Distributed Wireless Sensor Networks", in Journal of Computing and Information Technology (CIT), Vol. 16, no 4, ISSN: 1330-1136, pp.325-332, December 2008
- [7] Vladimir Trajkovik, Slogana Gligorovska, Danco Davcev, "Mobile Virtual Blackboard", IADIS International Journal on Computer Science and Information System, Volume II, Number 2, ISSN: 1646-3692, pp.83-98, October 2007
- [8] Blerim Mustafa, Vladimir Trajkovik, Danco Davcev, "Missing Data Correction In Still Images

Using Multi-Resolution Analysis" In Journal of Computing and Information Technology (CIT), Vol. 15, No 1, ISSN: 1330-1136, pp. 1-5, March 2007

- [9] Georgi Kosev, Sonja Gievska, Vladimir Trajkovic, "Motivational and Interruption tradeoffs in a Mobile Wellness-promoting Application", ACM conference Mobile HCI 2011, Stocholm, Sweden, August 30-September 2, 2011,
- [10] Sonja Gievska, Vladimir Trajkovic, "Evaluation of Context-aware Coordination of Interruptions in Mobile Applications", 7th International Conference on Intelligent Environments 2011 (WISHWell 2011 Workshop), Nottingham, UK, July 25-26, 2011,
- [11] Jugoslav Ackoski, Vladimir Trajkovic, "Intelligence Information System (IIS) with SOA-based Information Systems", 33rd International Conference on Information Technology Interfaces (ITI), Cavtat / Dubrovnik, Croatia, June 27-30, 2011,
- [12] Jadranka Nikolovska, Vladimir Trajkovic, "Communication Enabled Business Processes: Case study on ATM Credit Card Limit Request Services", 33rd International Conference on Information Technology Interfaces (ITI), Cavtat / Dubrovnik, Croatia, June 27-30, 2011,
- [13] Nevenka Kiteva-Rogleva, Vangel Fustic, Vladimir Trajkovic, "Risk Management Methods for Service Oriented Architecture Implementation in Electric Power System", IASTED International Conference Power and Energy System (EuroPES 2011), Crete, Greece, pages 40-45, June 22-24, 2011,
- [14] Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovic, "Towards Collaborative Health Care System Model – COHESY", 3th IEEE Workshop on Interdisciplinary Research on E-health Services and Systems (IEEE IREHSS 2011), Lucca, Italy, June 20-24, 2011,
- [15] Olivera Kotevska, Elena Vlahu-Gjorgievska, Vladimir Trajkovic, Saso Koceski, "Towards a Patient-Centered Collaborative Health Care System Model", 4th IEEE International Conference on Computer Science and Information Technology (IEEE ICCSIT 2011), Chengdu, China, June 10-12, 2011,
- [16] Vlahu-Gjorgievska, E., Kotevska O., and Trajkovic, V., 2011, "Collaboration Model within Personal Healthcare System", In Proceedings of 5th International Conference of Information systems and Grid technologies, Sofia, Bulgaria, May 2011,

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)
Collaborative model for mobile system for prevention of increased blood sugar level	2012	Faculty of Computer Science and Engineering	PI
Location Based Mobile Collaboration Services	2011	Faculty of Engineering technologies and Information Systems	PI
Interoperability Application in Collaborative Information Systems	2011	Ministry of Education of R. Macedonia and NEOKOM - Skopje	PI
Video Conferencing Services for Education	15.01.2009 – 14.01.2012	EU TEMPUS, Agreement Number: 144650-TEMPUS-2008-IT-JPGR	PI
Study - ICT standards and best practices for Local e-Government for South Eastern Europe	2009	NALAS (network of associations of local authorities in South Eastern Europe)	PI
Realization of Portal based Project Management Systems	2009	Ministry of Education of R. Macedonia and Aspekt - Skopje	PI
Integration of Mobile Services in Information Portals in R.Macedonia	2008	Ministry of Education of R.Macedonia and EuroNetCom - Skopje	PI
Indexing and Retrieval of 3D objects in MPEG-7	2006/2007	IntegraFM French-Macedonian program	Participant
SCORE – Strengthening the Strategic Co-Operation between the EU and Western Balkan Region in the field of ICT Research	2007/2009	FP6 Specific Support Action project	Participant
Virtual Digital Library	2003/2004	TEMPUS UM JEP 16155-2001	Participant
Wireless Services for strengthening of student services	2004/2005	TEMPUS UM JEP 17045-2003	Participant

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 7–18:

- design of algorithm for recommendation algorithms for collaborative health care
- evaluation, classification and comparison of new algorithms
- implementation of new algorithms

Months 19–24: Writing of scientific papers with obtained scientific results, and their submission to journals or presentation to conferences. Writing of the final Report.

Junior researcher (use separate sheets for each participant)

Name Surname	Done Stojanov
Title	Master of electrical engineering and information technologies
Position	Research and teaching assistant
Address	Ul. Krste Misirkov bb. 2000 Stip, Macedonia
Tel./Fax.	00 38932550134
e-mail	done.stojanov@ugd.edu.mk

Short CV:

Born on 15.01.1985 in Strumica. In 2008 has received bachelor degree from the Faculty of electrical engineering and information technologies in Skopje. In 2010 became master on **Software engineering**, defending master thesis: „**Bioinformatical analysis of existing and new models of proteins**”. Starting from September 2011, he works as a teaching assistant at the Faculty of computer science, part of the University „Goce Delcev” – Stip.

Scientific papers published in the last 5 years, indicating the impact factor according to JSR database of Thomson Reuters (if any) of the journals in which each paper was published

- [1] **Stojanov, Done**, Koceski, Saso, and Mileva, Aleksandra (2013). DNA FLAG: Fast Local Alignment Generating Methodology. *Romanian Biotechnological Letters* 18 (1), (in print). ISSN 1224-5984 (IF (2011) = **0.349**)
- [2] **D. Stojanov**, A. Mileva, S. Koceski, A new, space-efficient local pairwise alignment methodology, *Advanced Studies in Biology*, Vol. 4, 2012, no. 2, 85 – 93, ISSN 1313-9495
- [3] **Stojanov, Done (2012)**. IC: Intelligent Clustering, a new time efficient data partitioning methodology. *International Journal of Computer Science and Information Technologies*, 3 (5). pp. 5065-5067. ISSN 0975-9646
- [4] **Stojanov, Done** and Cekirovski, Todor and Suteva, Gabriela (2012). Technically Supported Bioinformatical Education. In *Proceedings of TIO 2012 2* (pp. 595-598), Čačak.
- [5] **Stojanov, Done** (2012). TUNING PID CONTROLLING PARAMETERS FOR DC MOTOR SPEED REGULATION. *Yearbook of the Faculty of Computer Science*.
- [6] **Stojanov, Done** and Cveta Martinovska (2012). TIME COMPLEXITY IMPROVEMENT OF THE FIRST PROCESSING STAGE OF THE INTELLIGENT CLUSTERING. *Yearbook of the Faculty of Computer Science*.
- [7] **Stojanov, Done** (2011). Аспекти на применливост на далечинско учење. In: Меѓународен научно-стручен собир, „Образованието во 21-от век”, 09.12.2011, Битола.

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)

Title of the PhD theses

Algorithms for DNK sequence alignment

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 1–6: He will participate in making a survey and comparative analysis of the algorithms and tools for sequence alignment and multiple DNK sequence alignment.

He will continue with last research of the algorithms for sequence alignment and multiple DNK sequence alignment.

Months 7–18:

- design of algorithm for DNK sequence alignment
- design of algorithm for multiple DNK sequence alignment
- implementation, evaluation and compariosns of new algorithms
- design of a web application for different new algorithms for sequence alignment and multiple DNK sequence alignment.

Months 19–24: Writing of scientific papers with obtained scientific results, and their submission to journals or presentation to conferences. We expect in the frame of this project to obtain most of the results needed for his PhD thesis.

Junior researcher (use separate sheets for each participant)

Name Surname	Marija Kalejska
Title	BSc in Computer science
Position	Student on postgraduate studies
Address	Ul. Krste Misirkov bb. 2000 Stip, Macedonia
Tel./Fax.	00 38978493234
e-mail	marija.kalejska@ugd.edu.mk

Short CV:

Born on 16.02.1990 in Štip. In 2012 has received bachelor degree from the Faculty of computer science in Štip, University Goce Delčev.". Starting from October 2012, she is on postgraduate studies on Intelligent Web Technologies, and she has a special interest in bioinformatics.

Scientific papers published in the last 5 years, indicating the impact factor according to JSR database of Thomson Reuters (if any) of the journals in which each paper was published

Participation in research projects

Project title	Period	Financed by	Role in the project (PI or participant)

Title of the MSci or PhD theses

Application of data mining techniques in bioinformatics

Tasks to be conducted in the frame of the project proposal (timetable)

Months 1–6: She will participate in making a survey and analysis of the algorithms for pair and multiple DNA alignment. She will be involved in preparing a study for application of data mining techniques for solving biological problems, such as prediction of protein structure, gene classification, clustering of gene expression data and statistical modeling of protein-protein interaction.

Months 7–18:

- evaluation, classification and comparison of different bioinformatical algorithms that use data mining techniques
- implementation of existing and new algorithms for software library

Months 19–24: Writing of scientific papers with obtained scientific results, and their submission to journals or presentation to conferences. We expect in the frame of this project to obtain most of the results needed for her master thesis.

Истражувачка инфраструктура

Истражувачки капацитети/опрема

Дадете детален опис на инфраструктурата и опремата која ќе биде на располагање на истражувачите во институциите кои учествуваат во проектот

На Факултетот за компјутерски науки на Универзитетот "Гоце Делчев" има шест целосно опремени компјутерски лаборатории кои се користат за истражување и настава.

Овој факултет ја има на располагање и следнава мрежна опрема која може да се користи за потребите на овој проект:

1-Cisco Catalyst Core Switch 4507R; 5 - Cisco L2/L3 Switch 3560G 48p PoE; 2 - Cisco L2 Switch 2960 48p PoE; 1-Cisco ASA 5505; 1-Cisco Router 2811; 1-Cisco Wireless LAN Controller 4400; 1-Cisco NAC Guest Server; 10 - Cisco WiFi Aironet 1131 Access Points; 1 - Cisco DMM server; 2-Cisco DMP 4310G; 1-Extreme Networks L2/L3 x450e 48p PoE Switch; 2 - 3Com L2/L3 4500G 48p PoE Switch.

Покрај тоа, следната инфраструктура за складирање на податоци ќе се користи за чување на добиените податоци: IBM x3550 M3; IBM x3690 X5; IBM DS4800 Storage; IBM TS3100 Tape Library; EMC Clarion AX-4 Storage

Со оглед на географска оддалеченост меѓу партнерите во проектот; за да се олесни комуникацијата, да се обезбедат постојани контакти меѓу учесниците во проектот и да се намалат трошоците за патувања и комуникациските трошоци, следнава видео-конференциска опрема ќе биде ставена на располагање за целите на проектот: Polycom VSS2000; Polycom MCU RMX2000; Polycom GK CM5000; Polycom HD 7001 endpoints.

За потребите на овој проект ќе може да се користат и следните ресурси на Факултетот за компјутерски науки и инженерство на Универзитетот Св. Кирил и Методиј, Скопје: 20 мултимедијални работни станици со Xeon процесори и NVIDIA Quadro 4400 графички картички, 2 видео сервери, 5 мултимедијални работни станици, 1 крен видео уред и два телевизори и 1 интерактивни таблата.

Следнава опрема и инфраструктура исто така ќе биде на располагање за целите на овој проект:

HPC кластер

- 84 blade servers

- 2x6Core Xeon

- 24G RAM

- Infiniband QDR

Рак Сервери

- 2x6Core Xeon X6540

- 24GB RAM

Checkpoint firewall UTM-1 138

Research infrastructure

Facilities available in the Researchers Team's laboratory (if applicable)

Provide a detailed list of the infrastructure and equipment available and necessary for the proposed research

The Faculty of Computer science at the University "Goce Delcev" has six fully equipped computer laboratories used for research and teaching.

The faculty has on its disposal the following network equipment which may be used in the eHealth social network development, evaluation and simulations:

1-Cisco Catalyst Core Switch 4507R; 5 - Cisco L2/L3 Switch 3560G 48p PoE; 2 - Cisco L2 Switch 2960 48p PoE; 1-Cisco ASA 5505; 1-Cisco Router 2811; 1-Cisco Wireless LAN Controller 4400;1-Cisco NAC Guest Server; 10 - Cisco WiFi Aironet 1131 Access Points; 1 - Cisco DMM server; 2-Cisco DMP 4310G;1-Extreme Networks L2/L3 x450e 48p PoE Switch;2 -3Com L2/L3 4500G 48p PoE Switch.

Moreover, the following data storage equipment will be used in the development process and for storage of measured sensor data: IBM x3550 M3; IBM x3690 X5; IBM DS4800 Storage; IBM TS3100 Tape Library; EMC Clarion AX-4 Storage

Considering the geographical distance between project partners; to facilitate permanent contacts between the project participants and to reduce the travel and communication costs, the following video-conferencing equipment will be at disposal for the project purposes: Polycom VSS2000; Polycom MCU RMX2000; Polycom GK CM5000; Polycom HD 7001 endpoints.

It has on its disposal several smart phones with developer licences, equipped with different operating systems (Andriod, Windows Phone 7, iOS).

For the purpose of the project the following resources at the Faculty of Computer Science and Engineering at University Ss. Cyril and Methodious, Skopje will be at researchers disposal: 20 multimedia workstations with Xeon processors and nVidia Quadro 4400 graphic cards, 2 videoconferencing servers, 5 multimedia workstations, 1 videoconferencing endpoint and two TV sets and 1 interactive whiteboard.

Following network and storage equipment will be also at disposal for the purpose of this project:

HPC cluster

- 84 blade servers
- 2x6Core Xeon
- 24G RAM
- Infiniband QDR

Rack Servers

- 2x6Core Xeon X6540
- 24GB RAM

Checkpoint firewall UTM-1 138

Финансиски план:**Трошоци (во МКД)**

Бр.	Вид на трошок	Прва година	Втора година	Вкупно
420	Патување во земјата и странство	50.000	70.000	120.000
426	Семинари и конференции	130.000	130.000	260.000
485	Компјутерски софтвер, книги и учебници	20.000		20.000
ВКУПНИ ТРОШОЦИ		200.000	200.000	400.000
Лабораторија				
Лабораториски материјал (ситен лабораториски инвентар)		100.000		100.000

Financial Plan

Expenditures (in MKD)

No.	Purpose	First year	Second year	Overall
420	Travel at home and abroad	50.000	70.000	120.000
426	Seminars, conferences	130.000	130.000	260.000
485	Computer software, books and textbooks	20.000		20.000
TOTAL COSTS		200.000	200.000	400.000
Laboratory				
Small laboratory equipment		100.000		100.000

Анекс 1

Наслов на проектот:

Развој на нови алгоритми и софтверска библиотека за примена во биомедицинското инженерство

Проект Бр: _____

Согласност на истражувачите и институциите вклучени во проектот (од сите истражувачи вклучени во проектот - по потреба да се зголеми бројот на соодветните полиња):

Главен истражувач: (Име, потпис и датум)	доц. д-р Александра Милева
Истражувач: (Име, потпис и датум)	доц. д-р Сашо Коцески
Истражувач: (Име, потпис и датум)	вон. проф. Цвета Мартиновска
Истражувач: (Име, потпис и датум)	вон. проф. Владимир Трајковиќ
Млад истражувач: (Име, потпис и датум)	м-р Доне Стојанов
Млад истражувач: (Име, потпис и датум)	Марија Калејска
Раководител на институцијата на главниот истражувач	Име и презиме, звање: Владо Гичев, вон. проф.
	Институција: Факултет за информатика, Универзитет “Гоце Делчев” - Штип
	Потпис и печат
Раководител на институцијата на останатите истражувачи	Име и презиме, звање: Владо Гичев, вон. проф.
	Институција: Факултет за информатика, Универзитет “Гоце Делчев” - Штип
	Потпис и печат
Раководител на институцијата на останатите истражувачи	Име и презиме, звање: Димитар Трајанов,
	Институција: Факултет за информатички науки и компјутерско инженерство, Универзитет “Св. Кирил и Методиј” - Скопје
	Потпис и печат

Анекс 2

И з ј а в а

Јас Александра Милева како главен истражувач, под морална и материјална одговорност изјавувам дека предложениот научен проект не се финансира од други извори на финансирање.

Датум

Потпис